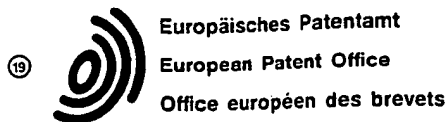


09/664,326  
IDS #4



Veröffentlichungsnummer:

0 324 712  
A2

12

## EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

21 Anmeldenummer: 89710003.8

22 Anmeldetag: 11.01.89

51 Int. Cl. 4: C 07 K 7/10  
C 12 N 15/00, C 12 P 21/02,  
A 61 K 37/64

30 Priorität: 13.01.88 HU 134185 23.02.88 DE 3805540

43 Veröffentlichungstag der Anmeldung:  
19.07.89 Patentblatt 89/29

64 Benannte Vertragsstaaten:  
AT BE CH DE ES FR GB GR IT LI LU NL SE

71 Anmelder: HOECHST AKTIENGESELLSCHAFT  
Postfach 80 03 20  
D-6230 Frankfurt am Main 80 (DE)

72 Erfinder: Crause, Peter, Dr.  
Schopenhauerstrasse 31  
D-6050 Offenbach (DE)

Habermann, Paul, Dr.  
Rossertstrasse 35  
D-6239 Eppstein Taunus (DE)

Tripler, Dominique, Dr.  
Am Kirschgarten 18  
D-6239 Eppstein Taunus (DE)

Patentansprüche für folgende Vertragsstaaten: ES + GR.

54 **Hirudin-Derivat.**

57 Ein Hirudin-Derivat, das durch die N-terminale Aminosäuresequenz Leu-Thr-Tyr-Thr-Asp gekennzeichnet ist, zeigt hohe biologische Aktivität. Dieses Hirudin-Derivat kann sehr effektiv durch gentechnische Herstellung in Hefen gewonnen werden.

EP 0 324 712 A2

Bundesdruckerei Berlin

## Beschreibung

## Hirudin-Derivat

Aus der europäischen Patentanmeldung mit der Veröffentlichungsnummer (EP-A) 0 171 024 sind Derivate des Hirudin und ihre gentechnische Herstellung bekannt.

Es wurde nun gefunden, daß das Hirudin-Derivat der Aminosäuresequenz

```

      0      1                                10
10  Leu-Thr-Tyr-Thr-Asp-Cys-Thr-Glu-Ser-Gly-Gln-Asn-Leu-Cys-
      20
      Leu-Cys-Glu-Gly-Ser-Asn-Val-Cys-Gly-Gln-Gly-Asn-Lys-Cys-
      30                                40
15  Ile-Leu-Gly-Ser-Asp-Gly-Glu-Lys-Asn-Gln-Cys-Val-Thr-Gly-
      50
      Glu-Gly-Thr-Pro-Lys-Pro-Gln-Ser-His-Asn-Asp-Gly-Asp-Phe-
      60
20  Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln

```

25

eine Reihe von Vorteilen aufweist. In dieser Sequenz wurde die Numerierung gemäß EP-A 0 171 024 beibehalten.

Das Hirudin und seine Derivate weisen unterschiedliche biologische Aktivität auf, was auf eine unterschiedliche Affinität zum Thrombin und/oder eine unterschiedliche Stabilität zurückgeführt werden kann. Das erfindungsgemäße Hirudin-Derivat zeichnet sich überraschenderweise durch eine besondere Aktivität aus.

Weiterhin wurde gefunden, daß das erfindungsgemäße Hirudin-Derivat besonders vorteilhaft in Hefen exprimiert wird. Wie Vergleichsversuche zeigten, erfolgt eine Expression von analogen Hirudin-Derivaten, die N-terminal mit Thr-Tyr oder Ile-Tyr beginnen, nur mit niedrigen Ausbeuten.

Die Expression aus Hefezellen ist nicht nur deshalb vorteilhaft, weil das Hirudin-Derivat sekretiert wird, sondern vor allem deshalb, weil es praktisch quantitativ in richtig gefalteter Form vorliegt und hohe Aktivität zeigt.

Die Figur 1 zeigt Klonierungsvektoren zur Gewinnung einer Genstruktur, die für das Hefe-MF $\alpha$ -Vorläuferprotein und das erfindungsgemäße Hirudin-Derivat codiert. Die Figur 2 zeigt einen Hefe-Expressionsvektor mit dieser Genstruktur.

Die Herstellung des erfindungsgemäßen Hirudin-Derivats kann selbstverständlich auch nach anderen Methoden erfolgen, beispielsweise durch Expression in Bakterien oder in höheren eukaryotischen Zellen wie Insektenzellen oder tierischen Zellen. Bevorzugt wird jedoch die Expression aus Hefesystemen, beispielsweise unter Verwendung der Hefe-Arten, wie sie in der EP-A 0 248 227 aufgeführt sind, z. B. *Pichia pastoris*, *Hansenula polymorpha*, *Schizosaccharomyces pombe* oder bevorzugt *Saccharomyces cerevisiae*.

Vektoren für die Expression in Hefen sind in großer Zahl bekannt, beispielsweise aus EP-A 0 060 057, 0 088 632, 0 116 201, 0 121 884, 0 123 544 und 0 195 691. Die Herstellung des erfindungsgemäßen Hirudin-Derivats wird im folgenden anhand des Hefe- $\alpha$ -Faktorsystems beschrieben, was jedoch nur als beispielhaft zu verstehen ist, da in an sich bekannter Weise auch andere Expressionssysteme eingesetzt werden können.

Die Struktur des Hefe-Pheromogens MF $\alpha$  ist bekannt aus Kurjan und HersHKovitz, Cell 30 (1982) 933-943, wo auch die Möglichkeit der Expression anderer Gene und die Sekretion der Genprodukte diskutiert wird. Diesbezüglich kann auch auf Brake et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 81 (1984, 4642-4646, verwiesen werden.

Als Hefektoren werden vorteilhaft sogenannte "shuttle"-Vektoren verwendet, die einen bakteriellen Plasmid- und einen Hefepiasmid-Replikationsursprung sowie Gene zur Selektion in beiden Wirtssystemen aufweisen. Ferner enthalten solche Vektoren die zur Expression fremder Gene notwendigen Promotorsequenzen und gegebenenfalls zur Verbesserung der Ausbeute eine Terminatorsequenz, so daß das heterologe Gen zweckmäßig fusioniert an sekretorische Signale - zwischen Promotor und Terminator angeordnet ist.

Die Erfindung wird durch die folgenden Beispiele näher erläutert. Prozentangaben beziehen sich auf das Gewicht.

**Beispiel 1: Konstruktion des Expressionsvektors**

Zunächst wird die DNA-Sequenz I (Tabelle 1) nach dem Phosphitverfahren synthetisiert. Diese DNA-Sequenz codiert für die Aminosäuren 49 bis 80 des MF $\alpha$ -Vorläuferproteins und entspricht im wesentlichen der natürlichen DNA-Sequenz.

Die DNA-Sequenz I wird zunächst als Sonde zur Isolierung des Gens für den  $\alpha$ -Faktor verwendet und hierzu mit  $^{32}\text{P}$  markiert. Mit Hilfe dieser Sonde wird aus einer genomischen  $\lambda\text{gt}11$ -Hefegenbank (wie sie inzwischen handelsüblich und z. B. bei Clontech Laboratories Inc., 4055 Fabian Way, Palo Alto, CA94303 erhältlich sind) das Gen isoliert. Dazu werden  $\lambda\text{gt}11$ -Phagen, die das  $\alpha$ -Faktorgen tragen, in einem Plaque-Hybridisierungsexperiment identifiziert. Phagen aus als positiv identifizierten Plaques werden isoliert, vermehrt und die DNA gewonnen. Diese wird mit EcoRI gespalten und auf einem 0,8%-igen Agarosegel analysiert. Nach einem "Southern transfer"-Experiment wird die Membran gegen die  $^{32}\text{P}$ -markierte DNA-Sequenz I hybridisiert, wird erneut mit dem Enzym gespalten und das entsprechende Fragment isoliert. Der Vektor pUC 19 wird mit EcoRI geöffnet und mit dem 1,75 kb-Fragment mit T4-Ligase umgesetzt. Man erhält den Klonierungsvektor 1.

In der Tabelle 2 sind die Klonierungsvektoren aufgeführt, die alle auf Basis eines pUC-Plasmids konstruiert wurden. Die Tabelle zeigt hierbei nur die Polylinker-Region dieser Vektoren in der üblichen 5'-3'-Richtung, wobei die MF $\alpha$ -Sequenzen durch punktierte und die Hirudin-Sequenzen durch gestrichelte Linien angedeutet sind. Durchgezogene Linien bedeuten pUC- bzw. Linker-Sequenzen. Die Figur 1 zeigt diese Klonierungsvektoren schematisch und nicht maßstabsgetreu.

Mit dem Ligationsgemisch wird der Stamm E. coli 79/02 transformiert. Weiße Kolonien werden isoliert, hieraus die Plasmid-DNA gewonnen und Plasmide, die das 1,75 kb-EcoRI-Fragment enthalten, identifiziert.

Die natürliche DNA-Sequenz des Vorläuferproteins für MF $\alpha$  enthält im Bereich der Codons für die Aminosäuren 8 bis 10 eine PstI-Schnittstelle und im Bereich der Codons für die Aminosäuren 48/49 eine TaqI-Schnittstelle. Aus der isolierten Plasmid-DNA wird nun durch Umsetzung mit PstI und TaqI das Fragment isoliert, das für die Aminosäuren 9 bis 48 der MF $\alpha$ -Vorläufersequenz codiert. Der Vektor pUC18 wird mit PstI und KpnI geöffnet und mit dem PstI-TaqI-Fragment sowie mit der synthetischen DNA-Sequenz I mit Hilfe von T4-Ligase umgesetzt. Mit dem Ligationsgemisch wird E. coli 79/02 transformiert. Das Transformationsgemisch wird auf IPTG-Xgal-Ap-Platten ausplattiert. Weiße Kolonien werden isoliert und die Plasmid-DNA dieser Klone durch Restriktionsanalyse charakterisiert. Man erhält so den Klonierungsvektor 2, der für die Aminosäuren 8 bis 80 der MF $\alpha$ -Vorläufersequenz codiert.

Aus dem Klonierungsvektor 2 wird durch Umsetzung mit PstI und KpnI die genannte codierende Sequenz ausgeschnitten und in die im folgenden beschriebene Ligierung eingebracht. Hierzu wird der Klonierungsvektor 1 mit EcoRI und partial mit PstI umgesetzt und das die Codierungssequenz für die ersten 8 Aminosäuren der MF $\alpha$ -Vorläufersequenz umfassende Fragment isoliert. Weiterhin wird der Vektor pUC19 mit EcoRI und KpnI geöffnet und mit den beiden beschriebenen Fragmenten ligiert, wobei der Klonierungsvektor 3 entsteht. Dieser codiert für die gesamte Vorläufersequenz des MF $\alpha$  bis zur Aminosäure 80.

Als Ausgangsmaterial für den größten Teil der Hirudin-Sequenz dient das in der EP-A 0 171 024 als "DNA-Sequenz I" wiedergegebene synthetische Gen, das in der vorliegenden Tabelle 1 als DNA-Sequenz IV aufgeführt ist. In dieser Sequenz sind die Restriktionsenzym-Schnittstellen durch Unterstreichung hervorgehoben: Im Bereich der Aminosäuren 1 bis 3 schneidet AccI, im Bereich der Aminosäuren 30/31 BamHI und, beginnend mit dem letzten Stop-Codon, SacI. Am 5'-Ende des Gens findet sich die überhängende Sequenz für XbaI und am 3'-Ende die überhängende Sequenz für SalI.

Dieses synthetische Gen wurde in zwei Teilen subkloniert (Figuren 1 und 2 in der EP-A 0 171 024). Diese Subklonierungsvektoren sind in der Tabelle 2 unter Nr. 4 (entsprechend Figur 2 von EP-A 0 171 024) bzw. 6 (entsprechend der Figur 1 von EP-A 0 171 024) wiedergegeben.

Der Klonierungsvektor 4 wird mit HincII und HindIII geöffnet und die linearisierte DNA wird mit der DNA-Sequenz II (Tabelle 1) ligiert. In dem so erhaltenen Klonierungsvektor 5 ist an der stumpfendig ligierten Stelle eine NcoI-Schnittstelle gebildet worden.

Aus dem Klonierungsvektor 6 wird das für die Hirudin-Teilsequenz codierende Fragment durch Totalverdauung mit BamHI und AccI herausgeschnitten. Dieses Fragment wird dann mit dem Klonierungsvektor 3, der mit BamHI und KpnI geöffnet wurde, sowie mit der DNA-Sequenz III (Tabelle 1) ligiert. In der DNA-Sequenz III sind die letzten drei Codons in der gleichen Weise numeriert wie in der DNA-Sequenz IV (Tabelle 1). Man erhält so den Klonierungsvektor 7, der für die ersten 80 Aminosäuren der Vorläufersequenz von MF $\alpha$  und die ersten 30 Aminosäuren des erfindungsgemäßen Hirudin-Derivats codiert, wie durch DNA-Sequenzanalyse bestätigt wurde.

Aus dem Klonierungsvektor 5 wird mit BamHI und HindIII das Fragment ausgeschnitten, das für die Aminosäuren 31 bis 64 von Hirudin codiert. Dieses Fragment wird in den mit den gleichen Enzymen geöffneten Klonierungsvektor 7 ligiert, wobei der Klonierungsvektor 8 erhalten wird, der für die ersten 80 Aminosäuren der MF $\alpha$ -Vorläufersequenz und die gesamte Sequenz des erfindungsgemäßen Hirudin-Derivats codiert. Die Struktur dieses Plasmids wird durch Restriktionsanalyse bestätigt.

Das Plasmid Yep13 (Broach et al., Gene 8 (1979) 121) wird mit BamHI geöffnet und die überstehenden Enden mit Klenow-Polymerase aufgefüllt. Die DNA wird mit Ethanol gefällt und mit alkalischer Rinderphosphatase behandelt.

Aus dem Klonierungsvektor 8 (Tabelle 2) wird mit NcoI und EcoRI das für das Hirudin-Derivat und die Vorläufersequenz des MF $\alpha$  codierende Fragment ausgeschnitten und die überstehenden Enden wie

beschrieben aufgefüllt

Die beiden stumpfendigen DNA-Sequenzen werden miteinander ligiert, wobei die Plasmide pafHir17 und pafHir18 (Figur 2) entstehen. Diese beiden Plasmide unterscheiden sich nur in der Orientierung des insertierten Fragmentes.

- 5 Wie in der EP-A 0 171 024 beschrieben, kann hinter die insertierte Sequenz ein Terminator eingesetzt werden (Figuren 4 bis 6 der EP-A 0 171 024). Hierfür eignen sich die NcoI- und/oder die BamHI-Schnittstellen.

- Nach Amplifikation der Plasmid-DNA in *E. coli* MM294 wird das Plasmid pafHir17 in die Leucin-bedürftigen Hefestämme Y79 ( $\alpha$ , trp1-1, leu2-1) (Cantrell et al., Proc. Acad. Natl. Sci. USA 82 (1985) 6250) und DM6-6( $\alpha$ ,  $\alpha$  leu2-3,112::ura3<sup>+</sup>/leu2::lys2<sup>+</sup>, trp1<sup>-</sup>/trp1<sup>-</sup>, his3-11, 15/his3-11, 15, ura3<sup>-</sup>/ura3<sup>-</sup>, lys2<sup>-</sup>/lys2<sup>-</sup>, arg4-17/arg4<sup>+</sup>, ade1<sup>-</sup>/ade1<sup>+</sup>) (Maya Hanna, Dept. Mol. Biol. Massachusetts General Hospital, Boston, USA) nach der Lithium-methode von Ito, H. et al., J. Bacteriol., 153 (1983) 163 transformiert. Kolonien, die auf selektivem Medium ohne Leucin-Zusatz wachsen können, werden isoliert und vereinzelt. Hefe-Minimalmedium wird mit den einzelnen Kolonien beimpft und 24 Stunden bei 28°C inkubiert. Die Zellen werden abzentrifugiert und der Überstand in einem Thrombin-Hemmtest auf Hirudinaktivität überprüft. Aus Hefeklonen, deren Überstand 15 Hirudin-Aktivität zeigt, wird die Plasmid-DNA reisoliert und durch Restriktionsanalyse charakterisiert. Die transformierten Hefestämme werden für die folgenden Expressionsversuche eingesetzt.

#### Beispiel 2: Expression

- 10 ml Hefevollmedium wird mit Zellen, die aus einer frischen Übernachtskultur eines nach Beispiel 1 erhaltenen Stammes aus selektivem Medium entnommen wurden, so beimpft, daß eine optische Dichte OD<sub>600</sub> = 0,1 erreicht wird. Die Kultur wird 8 Stunden bei 28°C geschüttelt, worauf 90 ml frisches Medium zugesetzt werden. Anschließend wird die Kultur für weitere 20 Stunden geschüttelt. Die Zellen werden abzentrifugiert und die Hirudinaktivität im Überstand bestimmt.

#### Beispiel 3: Aufarbeitung

- Nach Beispiel 2 erhaltener Überstand wird auf pH 3 bis 5 angesäuert und auf eine mit 0,1 M Essigsäure äquilibrierte Adsorptionssäule mit einem porösen Adsorberharz aus einem Copolymer von Styrol und Divinylbenzol (<sup>®</sup>DIAION HP 20) gegeben. Nach Waschen mit Tris • HCl (pH 8,5) und 50 mM Essigsäure erfolgt die Elution mit 30 %igem Isopropanol. Die das Hirudin-Derivat enthaltenden Fraktionen werden vereinigt und über eine Q-SEPHAROSE<sup>®</sup>-Säule gereinigt, die mit 20 mM Piperazin • HCl (pH 6) äquilibriert wurde. Die Elution erfolgt hierbei über einen 0 - 0,25 M NaCl-Gradienten. Die das Hirudin-Derivat enthaltenden Fraktionen werden erneut vereinigt und durch HPLC über eine C18-"Reversed Phase"-Chromatographiesäule gereinigt. Das so erhaltene Reinprodukt wird anschließend einer automatisierten Proteinsequenzanalyse unterzogen.

#### Beispiel 4: Vergleichsbeispiel

- Verfährt man gemäß Beispiel 1, setzt jedoch an Stelle der DNA-Sequenz III (Tabelle 1) die folgenden Sequenzen ein, so kann man im Überstand der Hefekultur nur eine minimale Hirudin-Aktivität nachweisen.

							1	2
		(Pro)	Leu	Asp	Lys	Arg	Thr	(Tyr)
	5'	CT	TTG	GAT	AAA	AGA	ACG	T
45	IIIIa	3'	CAT GGA	AAC	CTA	TTT	TCT	TGC ATA
		(KpnI)					(AccI)	

							1	2
		(Pro)	Leu	Asp	Lys	Arg	Ile	(Tyr)
	5'	CT	TTG	GAT	AAA	AGA	ATA	T
55	IIIIb	3'	CAT GGA	AAC	CTA	TTT	TCT	TAT ATA
		(KpnI)						

- Bei Verwendung der DNA-Sequenz IIIb enthalten die den Klonierungsvektoren 7 und 8 (Tabelle 2) entsprechenden Vektoren nicht die AccI-Schnittstelle.



DNA-Sequenz IV

Triplet Nr.					0	1	2	3	4	5
Aminosäure					Met	Thr	Tyr	Thr	Asp	Cys
Nucleotid Nr.						10			20	
Cod. Strang	5'	1	CT	AGA	ATG	ACG	TAT	ACT	GAC	TGC
nicht cod. Strang	3'			T	TAC	TGC	ATA	TGA	CTG	ACG
6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	
Thr	Glu	Ser	Gly	Gln	Asn	Leu	Cys	Leu	Cys	
		30			40			50		
ACT	GAA	TCT	GGT	CAG	AAC	CTG	TGC	CTG	TGC	
TGA	CTT	AGA	CCA	GTC	TTG	GAC	ACG	GAC	ACG	
16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	
Glu	Gly	Ser	Asn	Val	Cys	Gly	Gln	Gly	Asn	
		60			70			80		
GAA	GGA	TCT	AAC	GTT	TGC	GGC	CAG	GGT	AAC	
CTT	CCT	AGA	TTG	CAA	ACG	CCG	GTC	CCA	TTG	
26	27	28	29	30	31	32	33	34	35	
Lys	Cys	Ile	Leu	Gly	Ser	Asp	Gly	Glu	Lys	
		90			100			110		
AAA	TGC	ATC	CTT	GGA	TCC	GAC	GGT	GAA	AAG	
TTT	ACG	TAG	GAA	CCT	AGG	CTG	CCA	CTT	TTC	
36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	
Asn	Gln	Cys	Val	Thr	Gly	Glu	Gly	Thr	Pro	
		120			130			140		
AAC	CAG	TGC	GTT	ACT	GGC	GAA	GGT	ACC	CCG	
TTG	GTC	ACG	CAA	TGA	CCG	CTT	CCA	TGG	GGC	
46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	
Lys	Pro	Gln	Ser	His	Asn	Asp	Gly	Asp	Phe	
		150			160			170		
AAA	CCG	CAG	TCT	CAT	AAC	GAC	GGC	GAC	TTC	
TTT	GGC	GTC	AGA	GTA	TTG	CTG	CCG	CTG	AAG	
56	57	58	59	60	61	62	63	64		
Glu	Glu	Ile	Pro	Glu	Glu	Tyr	Leu	Gln	Stp	
		180			190			200		
GAA	GAG	ATC	CCT	GAG	GAA	TAC	CTT	CAG	TAA	
CTT	CTC	TAG	GGA	CTC	CTT	ATG	GAA	GTC	ATT	
Stp										
		210								
TAG	AGC	TCG			3'					
ATC	TCG	AGC	AGC	T	5'					

Tabelle 2: Klonierungsvektoren

Nr.	pUC	
1	19	-E... (1,75 kb $\alpha$ -Fragment) ...E-
2	18	-K... ( $\alpha$ -80-49) ...T... ( $\alpha$ -48-8) ...P-
3	19	-B-K... ( $\alpha$ -80-49) ...T... ( $\alpha$ -48-8) ...P...E-
4	8	-B--- (Hir31-64)-S-Hc-Hd-
5	8	-B--- (Hir31-64)-S-N-Hd-
6	12	-B--- (Hir30-3)---A---X-A-
7	19	-Hd-B--- (Hir30-3)---A---K... ( $\alpha$ -80-8) ...P...E-
8	19	-Hd-N-S--- (Hir64-3)---A---K... ( $\alpha$ -80-8) ...P...E-

... Mfa-Sequenzen

---Hirudin-Sequenzen

## Abkürzungen für Restriktionsenzyme

A = AccI  
 B = BamHI  
 E = EcoRI  
 Hc = HincII  
 Hd = HindIII  
 K = KpnI  
 N = NcoI  
 P = PstI  
 S = SalI  
 T = TaqI  
 X = XbaI

# **Patentansprüche**

5 1. Hirudin-Derivat der Aminosäuresequenz

0 1 10  
 10 Leu-Thr-Tyr-Thr-Asp-Cys-Thr-Glu-Ser-Gly-Gln-Asn-Leu-Cys-  
 20  
 Leu-Cys-Glu-Gly-Ser-Asn-Val-Cys-Gly-Gln-Gly-Asn-Lys-Cys-  
 15 30 40  
 Ile-Leu-Gly-Ser-Asp-Gly-Glu-Lys-Asn-Gln-Cys-Val-Thr-Gly-  
 50  
 20 Glu-Gly-Thr-Pro-Lys-Pro-Gln-Ser-His-Asn-Asp-Gly-Asp-Phe-  
 60  
 Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln

25

2. DNA, codierend für das Polypeptid mit der Aminosäure-Sequenz nach Anspruch 1.  
 3. Vektoren, enthaltend eine DNA-Sequenz nach Anspruch 2.  
 30 4. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß man eine DNA nach Anspruch 2 in einer Wirtszelle exprimiert.  
 5. Verfahren nach Anspruch 4, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszelle eine Hefezelle ist.  
 6. Arzneimittel, gekennzeichnet durch einen Gehalt an dem Polypeptid nach Anspruch 1.

35 **Patentansprüche für folgenden Vertragsstaat: GR**

1. DNA, codierend für ein Hirudin-Derivat der Aminosäuresequenz

40 0 1 10  
 Leu-Thr-Tyr-Thr-Asp-Cys-Thr-Glu-Ser-Gly-Gln-Asn-Leu-Cys-  
 20  
 45 Leu-Cys-Glu-Gly-Ser-Asn-Val-Cys-Gly-Gln-Gly-Asn-Lys-Cys-  
 30 40  
 Ile-Leu-Gly-Ser-Asp-Gly-Glu-Lys-Asn-Gln-Cys-Val-Thr-Gly-  
 50 50  
 Glu-Gly-Thr-Pro-Lys-Pro-Gln-Ser-His-Asn-Asp-Gly-Asp-Phe-  
 60  
 55 Glu-Glu-Ile-Pro-Glu-Glu-Tyr-Leu-Gln.

60 2. Vektoren, enthaltend eine DNA-Sequenz nach Anspruch 1.  
 3. Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids mit der in Anspruch 1 genannten Aminosäuresequenz, dadurch gekennzeichnet, daß man eine DNA nach Anspruch 1 in einer Wirtszelle exprimiert.  
 4. Verfahren nach Anspruch 3, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszelle eine Hefezelle ist.

65



### 1. Verfahren zur Herstellung eines Hirudin-Derivats der Aminosäuresequenz

dadurch gekennzeichnet, daß man eine DNA, die für dieses Polypeptid codiert, in einer Wirtszelle exprimiert.

2. Verfahren nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszelle eine Hefezelle ist.

Fig. 1

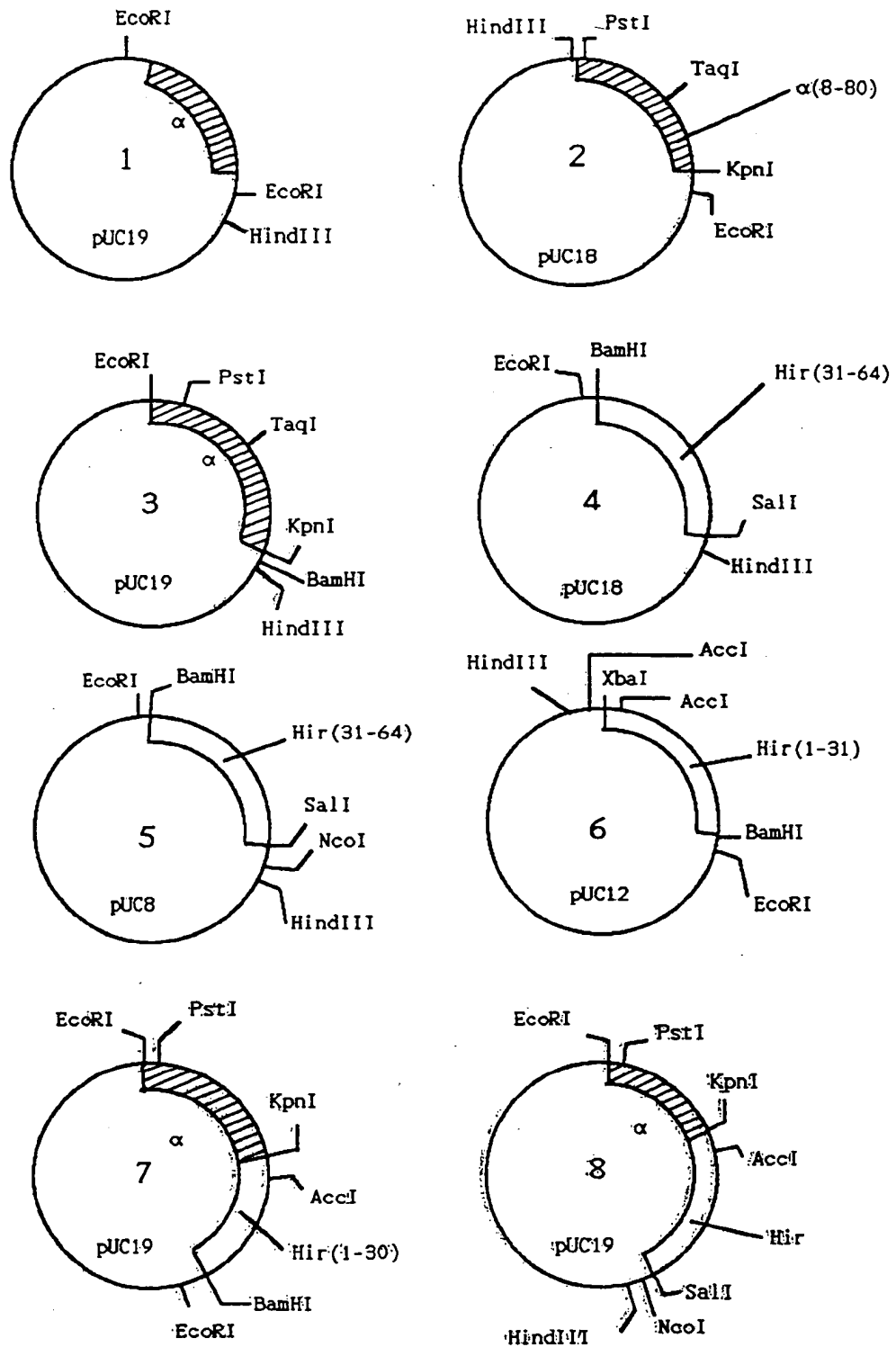
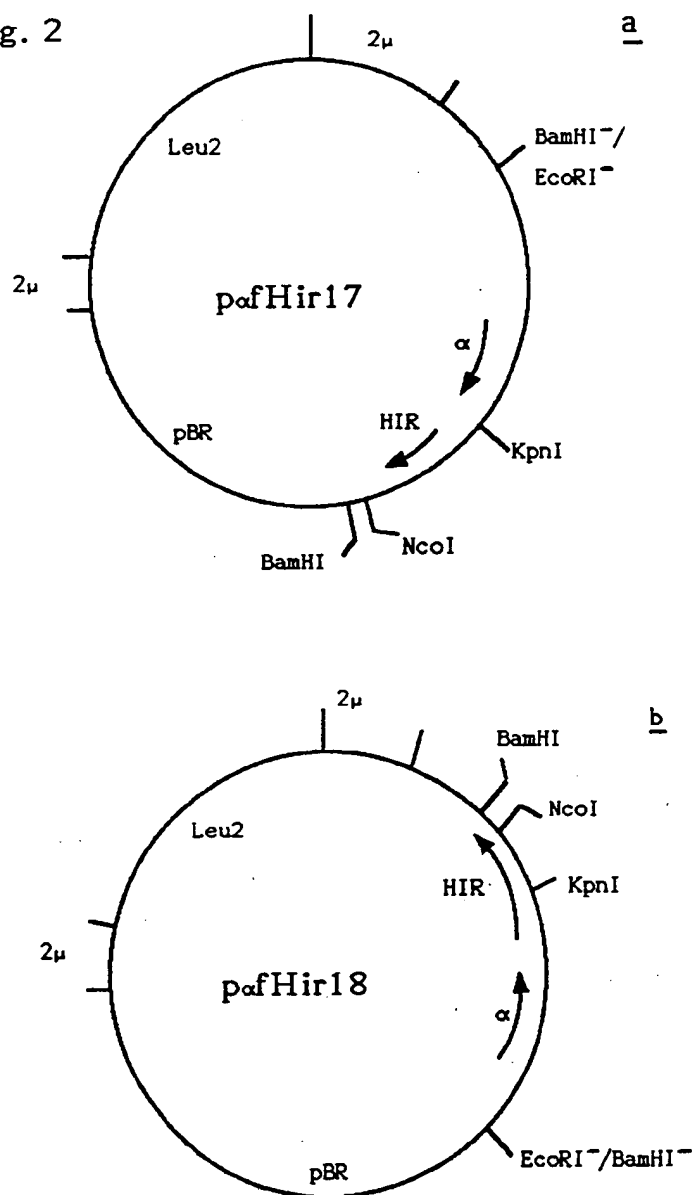


Fig. 2





12

## EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

21 Anmeldenummer: 89710003.8

51 Int. Cl.<sup>5</sup>: **C07K 7/10, C12N 15/00,  
C12P 21/02, A61K 37/64**

22 Anmeldetag: 11.01.89

30 Priorität: 13.01.88 HU 134185  
23.02.88 DE 3805540

43 Veröffentlichungstag der Anmeldung:  
19.07.89 Patentblatt 89/29

64 Benannte Vertragsstaaten:  
AT BE CH DE ES FR GB GR IT LI LU NL SE

68 Veröffentlichungstag des später veröffentlichten  
Recherchenberichts: 04.07.90 Patentblatt 90/27

71 Anmelder: **HOECHST AKTIENGESELLSCHAFT**  
Postfach 80 03 20  
D-6230 Frankfurt am Main 80(DE)

72 Erfinder: **Crause, Peter, Dr.**  
Schopenhauerstrasse 31  
D-6050 Offenbach(DE)  
Erfinder: **Habermann, Paul, Dr.**  
Rossertstrasse 35  
D-6239 Eppstein Taunus(DE)  
Erfinder: **Tripier, Dominique, Dr.**  
Am Kirschgarten 18  
D-6239 Eppstein Taunus(DE)

54 **Hirudin-Derivat.**

57 Ein Hirudin-Derivat, das durch die N-terminale Aminosäuresequenz Leu-Thr-Tyr-Thr-Asp gekennzeichnet ist, zeigt hohe biologische Aktivität. Dieses Hirudin-Derivat kann sehr effektiv durch gentechnische Herstellung in Hefen gewonnen werden.

**EP 0 324 712 A3**



Europäisches  
Patentamt

# EUROPÄISCHER RECHERCHENBERICHT

Nummer der Anmeldung

EP 89 71 0003

EINSCHLÄGIGE DOKUMENTE			
Kategorie	Kennzeichnung des Dokuments mit Angabe, soweit erforderlich, der maßgeblichen Teile	Betrifft Anspruch	KLASSIFIKATION DER ANMELDUNG (Int. Cl.4)
A	EP-A-0 209 061 (HOECHST AG) ---		C 07 K 7/10 C 12 N 15/00
A	EP-A-0 158 986 (HOECHST AG) -----		C 12 P 21/02 A 61 K 37/64
			RECHERCHIERTE SACHGEBIETE (Int. Cl.4)
			C 07 K C 12 N C 12 P A 61 K
Der vorliegende Recherchenbericht wurde für alle Patentansprüche erstellt			
Recherchesort DEN HAAG		Abschlußdatum der Recherche 30-03-1990	Prüfer DESCAMPS J.A.
KATEGORIE DER GENANNTEN DOKUMENTE X : von besonderer Bedeutung allein betrachtet Y : von besonderer Bedeutung in Verbindung mit einer anderen Veröffentlichung derselben Kategorie A : technologischer Hintergrund O : nichtschriftliche Offenbarung P : Zwischenliteratur		T : der Erfindung zugrunde liegende Theorien oder Grundsätze E : älteres Patentdokument, das jedoch erst am oder nach dem Anmeldedatum veröffentlicht worden ist D : in der Anmeldung angeführtes Dokument L : aus andern Gründen angeführtes Dokument & * Mitglied der gleichen Patentfamilie, übereinstimmendes Dokument	

EPO FORM 1503 03.12 (P0401)